

## EXHIBIT D

ClustalW (v1.4) multiple sequence alignment

```

huLGR8-A      1 MIVFLVFKHLFSLRLITMFFLLHFIVLINVKDFALTQGSMITPSCQKGYF  50
huLGR8-A_N    1                                     QGSMITPSCQKGYF  14
                                     *****

huLGR8-A      51 PCGNLTKCLPRAFHCDGKDDCGNGADEENCGDTSGWATIFGTVHGNANSV  100
huLGR8-A_N    15 PCGNLTKCLPRAFHCDGKDDCGNGADEENCGDTSGWATIFGTVHGNANSV  64
               *****

huLGR8-A      101 ALTQECFLKQYPQCCDCKETELECVDLKSVPMSNNVTLLSLKKNKIH  150
huLGR8-A_N    65 ALTQECFLKQYPQCCDCKETELECVDLKSVPMSNNVTLLSLKKNKIH  114
               *****

huLGR8-A      151 SLPDKVFIKYTKLKKIFLQHNCIRHISRKAFFGLCNLQILYLNHNCITT  200
huLGR8-A_N    115 SLPDKVFIKYTKLKKIFLQHNCIRHISRKAFFGLCNLQILYLNHNCITT  164
               *****

huLGR8-A      201 RPGIFKDLHQLTWLILDDNPITRISQRLFTGLNSLFFLSMVNNYLEALPK  250
huLGR8-A_N    165 RPGIFKDLHQLTWLILDDNPITRISQRLFTGLNSLFFLSMVNNYLEALPK  214
               *****

huLGR8-A      251 QMCAQMPQLNWDLEGNRIKYLTNSTFLSCDSLTVLFLPRNQIGFVPEKT  300
huLGR8-A_N    215 QMCAQMPQLNWDLEGNRIKYLTNSTFLSCDSLTVLFLPRNQIGFVPEKT  264
               *****

huLGR8-A      301 FSSLKNLGELDLSSNTITELSPHLFKDLKLLQKLNLSNPLMYLHKNQFE  350
huLGR8-A_N    265 FSSLKNLGELDLSSNTITELSPHLFKDLKLLQKLNLSNPLMYLHKNQFE  314
               *****

huLGR8-A      351 SLKQLQSLDLERIEIPNINTRMFQPMKNLSHIYFKNFRYCSYAPHVRICM  400
huLGR8-A_N    315 SLKQLQSLDLERIEIPNINTRMFQPMKNLSHIYFKNFRYCSYAPHVRICM  364
               *****

huLGR8-A      401 PLTDGISSFEDLLANNILRIFVWVIAFITCFGNLVIGMRSFIKAENTTH  450
huLGR8-A_N    365 PLTDGISSFEDLLANNILR                                     383
               *****

huLGR8-A      451 AMSIKILCCADCLMGVYLFFVGIFDIKYRGQYQKYALLWMESVQCRLMGF  500
huLGR8-A_N    384                                     383

huLGR8-A      501 LAMLSTEVSVLLLTYLTLLEKFLVIVFPFSNIRPGKRQTSVILICIWMAGF  550
huLGR8-A_N    384                                     383

huLGR8-A      551 LIAVIPFWNKDYFGNFYKGNGVCFLYYDQTEDIGSKGYSLGIFLGVNLL  600
huLGR8-A_N    384                                     383

huLGR8-A      601 AFLIIVFSYITMFCSIQKTALQTTEVRNCFGREVAVANRFFFIVFSDAIC  650
huLGR8-A_N    384                                     383

```

huLGR8-A 651 WIPVFVVKILSLFRVEIPDTMTSWIVIFFLPVNSALNPILYTLTTNFFKD 700  
huLGR8-A\_N 384 383

huLGR8-A 701 KLKQLLHKHQKRSIFKIKKKSLSTSIVWIEDSSSLKLGVLNKITLGDSIM 750  
huLGR8-A\_N 384 383

huLGR8-A 751 KPVS 754  
huLGR8-A\_N 384 383